

令和6年度厚生労働科学研究費補助金  
 (食品の安全確保推進研究事業)  
 (分担) 研究報告書

野生鳥獣における食中毒細菌等の病原細菌の汚染状況の把握と病原因子の機能解析に関する研究

研究分担者 鈴木 康規 (東京農工大学)  
 研究協力者 壁谷 英則 (日本大学)  
 研究協力者 高井 伸二 (北里大学)

研究要旨：

前課題からの継続研究として、野生鳥獣糞便からの黄色ブドウ球菌の分離と食中毒起病性の評価並びに CRE などの薬剤耐性菌の分離と耐性遺伝子探索を実施した。また、カンピロバクターの分離と分子疫学解析並びに野生獣から人への汚染を評価する目的で解体者の手指ふき取り検体からの分離を新たに加えることで、野生獣由来の健康被害のリスクを検討した。黄色ブドウ球菌並びに薬剤耐性菌に関しては 2024 年 2 月から 2025 年 2 月までに採取したシカ糞便 185 検体、イノシシ糞便 117 検体、作業員ふき取り 8 検体を調査した。また、カンピロバクターに関しては、2022 年 1 月から 2024 年 3 月までに採取したシカ糞便 446 検体、イノシシ糞便 149 検体を調査した。黄色ブドウ球菌は、シカ糞便 17 検体 (9.2%) から分離されたが、イノシシ糞便及び作業員ふき取りからは分離されなかった。これは、前課題 3 年間の分離傾向と一致しており、イノシシよりシカの方が、黄色ブドウ球菌の保菌率が高いことを強く示唆している。一方、本年度も CRE は分離されなかったことから、野生鳥獣が生息する環境には CRE が拡散していないことが示唆された。セフトキシム (CTX) に耐性を示す株が、シカ糞便 1 検体 (0.5%)、イノシシ糞便 2 検体 (1.7%) から分離された。本年度は過去三年間の調査に比べ若干少ない分離率であった。

続いて、これまでの分離菌株のゲノム解析を進めた。2023 年 1 月以降分離された黄色ブドウ球菌 18 菌株 (シカ糞便由来 6 株、イノシシ糞便由来 1 株、シカ肉由来 11 株) は、1 株を除く 17 株が前課題時に新たに見出した「野生鳥獣特有クローン」に属し、その内 2 株が ST6238 に近縁の新規 ST であることが明らかとなった。また、CTX 耐性菌 14 株全てで少なくとも一つの *bla* 遺伝子を保有する多剤耐性菌であり、過去三年間の調査と同様、多くが *bla*<sub>CTX-M-15</sub> (6 株 : 42.9%) か *bla*<sub>CTX-M-55</sub> (6 株 : 42.9%) を保有していた。14 株中 13 株は *Escherichia coli* であったが、1 株が *Enterobacter hormaechei* であり、AmpC 型 β ラクタマーゼである *bla*<sub>ACT16</sub> に類似した遺伝子 (3 か所の点変異) を保有することを明らかにした。

カンピロバクターは、シカ糞便 30 検体 (6.7%)、イノシシ糞便 72 検体 (48.3%) から分離され、イノシシはシカに比べて有意 ( $p < 0.01$ ) に高値を示した。菌種別では、*C. hyointestinalis* がシカ 18 頭 (4.0%)、イノシシ 52 頭 (34.9%) で最も多かった。

最後に野生鳥獣が保有する非結核性抗酸菌に着目した研究を開始した。本菌の分離は既報 (Odoi et al., J Wildl Dis. 2020) の方法を一部改変して実施し、培養は小川培地法と酸素感受性蛍光センサー法 (MGIT) を併用した結果、両者ともに抗酸菌様のコロニー・反応が検出できたため、野生鳥獣糞便からの分離に既報が応用できることが判明した。

## A. 研究目的

野生鳥獣由来食肉による食中毒発生を防止するためには、食中毒細菌の野生鳥獣における汚染、及び処理・加工段階での汚染、それぞれの過程における状況の汚染状況の把握が重要である。ブドウ球菌食中毒の主な原因菌である黄色ブドウ球菌は温血動物の常在菌として知られており、野生鳥獣由来食肉においても例外ではない。しかし、野生鳥獣をはじめとした環境中における本菌の分布や疫学的情報は非常に限られている。また、細菌性食中毒の中で最も発生件数の多いカンピロバクターは、ニワトリ、ウシ等の家きんや家畜だけではなく、ペット、野生鳥獣など多くの動物が保菌することが知られている。そのため、野生鳥獣由来食肉を原因とするカンピロバクター食中毒の発生のリスクが危惧されるが、野生鳥獣における本菌の疫学的情報も非常に乏しい。

近年、グラム陰性菌による感染症の治療において「最後の切り札」的抗菌薬であるイミペネムやメロペネムなどのカルバペネム系抗菌薬を分解するカルバペネム耐性腸内細菌目細菌(CRE)が国際的に警戒されている。我が国においても、2014年9月より本菌を原因とするCRE感染症が感染症法に基づく5類全数把握対象疾患となり、その発生状況を注視している。本耐性遺伝子の特徴として①水平伝達され易いため広く伝播する恐れがあること、②多くのvariantが存在し基質となる薬剤が異なる表現型を有するものが存在することなどがあげられる。ヒトの臨床現場におけるCRE感染症患者からの分離菌株の疫学的及び遺伝学的解析は数多く報告され、その地域で流行するその特徴が把握されつつある。しかし、本耐性遺伝子の由来や野生鳥獣を含む環境中に存在する腸内細菌科細菌の汚染状況に関する報告は少ない。

非結核性抗酸菌(NTM)は、結核菌とらい菌以外の抗酸菌の総称であり、現在200菌種以上が含まれ、自然環境中の水系・土壌中や家畜などの動物の体内、水道・貯水槽などの給水システムなどに広く存在する。NTMは、吸入による呼吸器系疾患の他、水や食物を介する消化器系疾患や創傷感染を引き起こすとされている。NTM症は近年増加傾向にあり、

食餌性の感染リスクを評価する必要があると考えられる。

本年度は、前課題からの継続研究として、シカおよびイノシシの糞便試料からの黄色ブドウ球菌の分離と食中毒起病性の評価並びにCREなどの薬剤耐性菌の分離と耐性遺伝子探索を実施するとともにカンピロバクターの分離・分子疫学解析と解体者のふき取り検体からの分離を新たに加えることで、これら野生獣における汚染状況に関する分子疫学データを蓄積することを目的とした。また、野生鳥獣における非結核性抗酸菌の汚染調査を実施するための分離方法の検討を行った。

## B. 研究方法

### 1) 糞便試料

日本各地より狩猟および有害鳥獣として捕獲された野生鳥獣(シカ及びイノシシ)から糞便を回収し、4℃保存の状態でご研究室まで搬入した。

### 2) 糞便試料・ふき取り検体からの黄色ブドウ球菌の分離

一般的な食中毒検査におけるヒト糞便・ふき取り検体からの黄色ブドウ球菌の分離法に準拠した方法に従って行った(鈴木, 臨床検査. 2022. 66:64-72.)。

### 3) 糞便試料・ふき取り検体からの薬剤耐性菌の分離

我々が以前報告した下水からの薬剤耐性菌の分離法に準拠した方法に従って行った(Suzuki et al., mSphere. 2019. 4:e00391-19.)。

### 4) 糞便試料からのカンピロバクターの分離

一般的な食中毒検査におけるヒト糞便からのカンピロバクターの分離法に準拠した方法に従って行った(Morita et al., 2022. 82:101766.)。

### 5) 糞便試料からの非結核性抗酸菌の分離

以前報告された非結核性抗酸菌の分離法を一部改変して行った(Odoi et al., J Wildl Dis. 2020. 56:851-862.)。

## 6) 分離菌株の全ゲノム解析

分離菌株を BHI 液体培地で一晚培養し、DNeasy Blood & Tissue Kits (QIAGEN) を用いてゲノム DNA (gDNA) を抽出した。それぞれの gDNA について、Nextera XT DNA Library Prep Kit (Illumina) を用いてシークエンス用ライブラリを作製した。MiSeq もしくは iSeq (Illumina) シークエンスシステムを用いて、ショートリードの全ゲノムデータを取得した。

## 7) *in silico* 解析

得られたペアエンドのリードデータを ANI Calculator

(<https://www.ezbiocloud.net/tools/ani>)

CLC Genomics Workbench (QIAGEN)、PubMLST

(<https://pubmlst.org/>) 並びに Center for Genomic

Epidemiology

(<https://cge.cbs.dtu.dk/services>) にイン

ポートし、各菌株の ANI value、Mutilocus sequence typing (MLST) 法に沿った ST 型の

決定、毒素遺伝子、薬剤耐性遺伝子の探索を行った。また、新規  $\beta$  ラクタマーゼと既報の

$\beta$  ラクタマーゼのアミノ酸配列アライメント解析は Clustal Omega

(<https://www.ebi.ac.uk/jdispatcher/msa/clustalo>) を使用した。

(倫理面への配慮)

なし

## C. 研究結果

### 1) 野生獣糞便からの黄色ブドウ球菌の分離率 (表 1)

日本全国 15 都道府県で採取したシカ糞便 185 検体中 17 検体から黄色ブドウ球菌が分離され、陽性率は 9.2%であった (2024 年 2 月から 2025 年 3 月までの搬入分)。また、日本全国 8 都道府県で採取したイノシシ糞便 117 検体全てで黄色ブドウ球菌は分離されなかった。本年度も前課題時と同様、黄色ブドウ球菌はイノシシ糞便よりシカ糞便から高率に分離された。

### 2) 野生鳥獣糞便からの $\beta$ ラクタム系抗生物質耐性腸内細菌目細菌の分離率 (表 2)

上記と同一の糞便検体を用いて  $\beta$  ラクタム系抗生物質耐性腸内細菌科細菌の分離を行った。前課題時の結果と同様、2024 年 2 月から 2025 年 3 月までの搬入分の全 302 検体において CRE は検出されなかった。セフトキシムに耐性を示し基質特異性拡張型  $\beta$ -ラクタマーゼ (Extended spectrum beta-lactamase: ESBL) 産生菌だと疑われる株が、シカ糞便 185 検体中 1 検体 (0.5%)、イノシシ糞便 117 検体中 2 検体 (1.7%) から分離された。本年度は過去三年間の調査に比べ特にイノシシ糞便からの分離率が少ない傾向であった。

### 3) 解体作業者の手指ふき取り検体からの黄色ブドウ球菌並びに $\beta$ ラクタム系抗生物質耐性腸内細菌目細菌の分離 (表 1・2)

東広島ジビエセンター株式会社で通例通り解体作業した、1) 表皮洗浄前後、2) 剥皮前後、3) 内臓摘出前後の解体作業者の手指のふき取りをゴム手袋の上から実施し、分離を試みたが、全 8 検体において黄色ブドウ球菌並びに  $\beta$  ラクタム系抗生物質耐性腸内細菌目細菌は検出されなかった。

### 4) 野生鳥獣糞便からのカンピロバクターの分離率

日本全国 14 府県で採取したシカ糞便 179 検体中 4 検体からカンピロバクターが分離され、陽性率は 2.2%であった。また、日本全国 9 府県で採取したイノシシ糞便 118 検体中 16 検体からカンピロバクターが分離され、陽性率は 13.6%であった (2024 年 4 月から 2025 年 3 月までの搬入分)。分離率は、イノシシがシカに比べて有意 ( $p < 0.001$ ) に高値を示した。

### 5) 分離した黄色ブドウ球菌の遺伝学的特性 (図 1)

2023 年 1 月以降分離された黄色ブドウ球菌 18 菌株 (シカ糞便由来 6 株、イノシシ糞便由来 1 株、シカ肉由来 11 株) は、1 株を除く 17 株が前課題時に新たに見出した「野生鳥獣特有クローン」に属し、その内 2 株が

ST6238 に近縁の新規 ST であることが明らかとなった。

#### 6) 分離した薬剤耐性腸内細菌目細菌の特性 (表 3・図 2)

CTX 耐性菌 14 株全てで少なくとも一つの *bla* 遺伝子を保有する多剤耐性菌であり、過去三年間の調査と同様、多くが *bla*<sub>CTX-M-15</sub> (6 株 : 42.9%) か *bla*<sub>CTX-M-55</sub> (6 株 : 42.9%) を保有していた。14 株中 13 株の菌種は *Escherichia coli* であったが、1 株が *Enterobacter hormaechei* であり、AmpC 型 β ラクタマーゼである *bla*<sub>ACT16</sub> に類似した遺伝子 (3 か所の点変異、1 か所のアミノ酸置換) を保有していた。

#### 7) 分離したカンピロバクターの菌種

分離株は、いずれも *C. hyointestinalis* であった。

#### 8) 野生鳥獣糞便からの非結核性抗酸菌の分離方法の検討 (図 3)

非結核性抗酸菌の分離は既報の方法を一部改変して実施し、除菌処理には NALC/NaOH を、培養は小川培地法と酸素感受性蛍光センサー法 (MGIT) を併用した。シカ糞便 10 検体、イノシシ糞便 10 検体を対象に分離を試みた結果、培養 1 週間程度で、シカ糞便 24D109 やイノシシ糞便 24B64 から抗酸菌様のコロニー・反応が検出できた。

### D. 考察

#### 1) 野生鳥獣が保有する病原菌のリスクについて

黄色ブドウ球菌の分離率がイノシシ糞便よりシカ糞便から高率であることは前研究課題期間の過去 3 年間と同様の傾向であった。これは、イノシシよりシカの方が、黄色ブドウ球菌の保菌率が高いことを強く示唆しており、この疫学特性が強固に維持されていること示している。前研究課題で実施した分離菌株のゲノム解析により、野生獣には、CC121 から分岐した独自の黄色ブドウ球菌クローンが定着していることを明らかにした。本年度のゲノム解析の結果も同様で、解析した 18 株中 17 株が分離地域に偏ることなく

同クローンに属したことにより、本クローンが野生鳥獣特有であるという疫学的特性を強く支持する結果となった。

前研究課題時から継続して CRE の分離を試みたが、本年度も CRE は分離されなかった。4 年間の継続した検査において 1 株も分離されていないことは、ヒトの臨床現場で大きな問題になっている CRE が現時点では野生鳥獣の環境には拡散していないことを示唆しているが、今後も継続的なモニタリングが必要であると考えられる。

本年は 3 株の CTX 耐性の腸内細菌目細菌が分離された。前研究課題時と比較して特にイノシシ糞便から少ない分離率であった。本年度はサンプリングの季節的・地域的な偏りは例年通りであり、この原因は不明であるが、分離率の年次推移を把握するためにも来年度以降のモニタリングも必要であると考えられる。

2023 年 1 月以降に分離された CTX 耐性菌は、13 株が *Escherichia coli* で 1 株が *Enterobacter hormaechei* (EH24M26 株) であった。全 14 株で少なくとも一つの *bla* 遺伝子を保有する多剤耐性菌であり、多くが *bla*<sub>CTX-M-15</sub> (6 株 : 42.9%) か *bla*<sub>CTX-M-55</sub> (6 株 : 42.9%) を保有していた。いずれの耐性遺伝子も過去三年間の調査で同程度分離されている。また国内外において動物・環境からの分離例が報告されていることから、本耐性遺伝子が世界中の環境中に広く分布しており、野生獣が保有する腸内細菌目細菌にも例外なく分布しているものと考えられる。また、*Enterobacter hormaechei* が保有する *bla* 遺伝子 AmpC 型 β ラクタマーゼである *bla*<sub>ACT16</sub> に類似した遺伝子であり、3 か所の塩基置換と 1 か所のアミノ酸置換が存在した。1 アミノ酸置換の β ラクタマーゼであり、機能的には *bla*<sub>ACT16</sub> と同等であることが予測されるが、機能面については今後の検討が必要である。

野生鳥獣糞便からのカンピロバクターの分離率は、イノシシがシカに比べて有意 ( $p < 0.001$ ) に高値を示し、分離株はいずれも *C. hyointestinalis* であった。これは食性が関与している可能性がある。雑食性の猪は、草食性の鹿よりも *C. hyointestinalis* に汚染された感染源に暴露される機会が多い可

能性が考えられた。さらに、野生イノシシは、体表に付着しているダニなどの外部寄生虫を落とすため、湖沼付近にぬた場を形成し、泥を浴びる習性がある。ぬた場を介した泥浴びの習性により、シカに比べてイノシシは、*C. hyointestinalis* を保菌した他の猪の糞便に暴露される機会が多かった可能性が考えられた。近年、下痢を呈した患者から本菌が分離されることが明らかとなっている。今後野生鳥獣を原因とした本菌による食中毒のリスクを評価する必要がある。

## 2) 野生獣糞便からの非結核性抗酸菌の分離方法の検討について

非結核性抗酸菌の分離は既報の方法を一部改変して実施し、培養1週間程度で一部のシカ・イノシシ糞便から抗酸菌様のコロニー・反応が検出できたことから、本法は非結核性抗酸菌の分離に適応できると考えられる。次年度以降、糞便サンプルからの非結核性抗酸菌の分離を追加し、菌種を決定した後、収集できた分離菌株の病原性試験を行うためにレポーター遺伝子導入株の作出を開始する予定である。

## E. 結論

1) 前課題研究時と同様、黄色ブドウ球菌の分離率がイノシシ糞便よりシカ糞便から高率であることから、イノシシよりシカの方が、黄色ブドウ球菌の保菌率が高いことを強く示唆している。

2) 前課題研究時と同様、CREは分離されなかったことから、野生鳥獣が生息する環境にはCREが拡散していないことが示唆された。また、本年度は3株（シカ糞便：1株、イノシシ糞便：2株）のCTX耐性の腸内細菌目細菌が分離された。前課題時には、イノシシ糞便からの方が高率に分離される傾向があったが、本年度は過去三年間の調査に比べ若干少ない分離率であった。

3) 作業員手指のふき取り検体からは、今回対象とする病原体は分離されなかった。本年度は1か所8検体の検査のみであるが、来年度以降も継続的に実施することで解体作業

時における野生鳥獣から人への汚染を評価し、健康被害のリスクとなり得るのか検討を続ける。

4) 分離菌株のゲノム解析の結果、多くの黄色ブドウ球菌・CTX耐性菌ともに例年と同様のゲノム構造、耐性遺伝子を持つことが判明した。これまで明らかにしてきた野生鳥獣特有の分子疫学的特性を強く支持する結果である。

5) ゲノム解析を行った *Enterobacter hormaechei* EH24M26 株が保有する *bla* 遺伝子 AmpC 型βラクタマーゼである *bla*<sub>ACT16</sub> に類似した遺伝子であり、3か所の塩基置換と1か所のアミノ酸置換が存在した。1アミノ酸置換のβラクタマーゼであり、機能的には *bla*<sub>ACT16</sub> と同等であることが予測されるが、今後の検討が必要である。

5) 本年度開始したカンピロバクターの保菌調査では、シカ、イノシシともに、食中毒の原因となる *C. hyointestinalis* を高率に保菌していることが明らかとなった。鹿に比べて特に猪において優位に高率に保菌していた。

6) 野生鳥獣糞便からの非結核性抗酸菌の分離は既報の方法を一部改変すること抗酸菌様のコロニー・反応が検出できたことから、本法が応用できると考えられた。

## F. 健康危機情報 特になし

## G. 研究発表

1. 論文発表  
なし

2. 学会発表

1. 鈴木康規、小野久弥. シンポジウムⅡ「微生物毒素と食中毒研究の最前線：新型ブドウ球菌エンテロトキシンの発見と食中毒リスク」第45回日本食品微生物学会学術総会（青森）2024年9月5日-6日。（招待シンポジウム）

2. 鈴木康規、小野久弥、胡 東良. 「ブドウ球菌の分子疫学 解析法の進展と日本・世界の現状：新型ブドウ球菌エンテロトキシンの発見と食中毒リスク」 第 68 回日本ブドウ球菌研究会 (Web 開催) 2024 年 9 月 7 日.

### 3. 講演会

1. 高井伸二. ジビエハンター研修会 2024 年 10 月 9 日 (オンライン) 50 名「衛生管理・疾病」農林水産省補助事業 鳥獣被害対策基盤支援事業 利活用技術者育成研修事業 (株式会社一成)。概要 野生動物の捕獲従事者等を対象とした食肉利用に適した捕獲および異常の確認、および衛生管理等に関する研修会を実施する。研修終了後、受講者に対して、研修カリキュラムの理解度を確認し、研修修了証を受講者に授与する。
2. 高井伸二. ジビエハンター研修会 2024 年 10 月 24 日 (オンライン) 40 名「衛生管理・疾病」農林水産省補助事業 鳥獣被害対策基盤支援事業 利活用技術者育成研修事業 (株式会社一成)。概要は同上
3. 高井伸二. ジビエハンター研修会 2024 年 11 月 9 日 (オンライン) 40 名「衛生管理・疾病」農林水産省補助事業 鳥獣被害対策基盤支援事業 利活用技術者育成研修事業 (株式会社一成)。概要は同上
4. 高井伸二. ジビエハンター研修会 2024 年 11 月 19 日 (オンライン) 40 名「衛生管理・疾病」農林水産省補助事業 鳥獣被害対策基盤支援事業 利活用技術者育成研修事業 (株式会社一成)。概要は同上

## H. 知的財産権の出願・登録状況

### 1. 特許取得

なし

### 2. 実用新案登録

なし

### 3. その他

なし

図表

表 1. 野生獣糞便及び解体者ふき取り検体からの黄色ブドウ球菌の分離結果

検体	陽性率	都道府県	菌株名
シカ糞便	17/185 (9.2%)	山梨	SA24D44
		鹿児島	SA24D45、SA24D46、SA24D55、SA24D71
		山口	SA24D51
		不明	SA24D53
		大分	SA24D56、SA24D109
		岩手	SA24D59
		広島	SA24D67
		宮崎	SA24D84、SA24D90、SA24D118、SA24D119、SA24D138
		静岡	SA25D54
イノシシ糞便	0/117 (0%)		
作業者ふき取り	0/8 (0%)		

表 2. 野生獣糞便及び解体者ふき取り検体からの薬剤耐性腸内細菌目細菌の分離結果

検体	陽性率	都道府県	菌株名
カルバペネム耐性腸内細菌目細菌 (CRE)			
シカ糞便	0/185 (0%)		
イノシシ糞便	0/117 (0%)		
作業者ふき取り	0/8 (0%)		
セフトキシム耐性腸内細菌目細菌 (ESBL)			
シカ糞便	1/185 (0.5%)	大阪	et24D95
イノシシ糞便	2/117 (1.7%)	大分	et24B53
		宮崎	et24B95
作業者ふき取り	0/8 (0%)		

表 3. 2023 年 1 月以降に分離された CTX 耐性菌株が保有する薬剤耐性遺伝子の一覧

菌株	βラクタム系薬剤耐性遺伝子	その他の耐性遺伝子
シカ糞便由来		
EC23D137	blaCTX-M-55	aadA1, dfrA1
EC23D164	blaCTX-M-3, blaTEM-1B	aph(6)-1d, aph(3'')-1b, qnrS1, sul2, tet(A), dfrA14
EC24D81	blaCTX-M-15, blaTEM (New type ?)	aph(6)-1d, aph(3'')-1b, floR, sul2, tet(A)
イノシシ糞便由来		
EC23B17	blaCMY-86	qnrB30
EC23B19	blaCTX-M-15, blaTEM-1B	aph(3')-1a, aph(6)-1d, aph(3'')-1b, floR, qnrS1, sul2, tet(A), dfrA17
EC23B22	blaCTX-M-55	aadA1, aadA5, aac(3)-IIa, aph(3')-1a, mphA, sul1, sul3, tet(A), dfrA17, dfrA14
EC23B23	blaCTX-M-15	qnrS1
EC23B36	blaCTX-M-55	aph(3')-1b, aph(6)-1d, floR, sul2, tet(A)
EC23B40	blaCTX-M-55	aac(3)-IId, aph(3')-1a, aph(6)-1d, floR, qnrS1, ARR2, sul3, tet(A), dfrA14
EC23B43	blaCTX-M-55	aph(6)-1d, aph(3'')-1b, aadA5, floR, sul2, tet(A), dfrA17
EC23B51	blaCTX-M-15	qnrS1
EC24B17	blaCTX-M-15, blaTEM-1B	aph(6)-1d, aph(3'')-1b, floR, sul2, tet(A)
シカ肉由来		
EH24M26	blaACT(New type?)	fosA, OqxA, OqxB

図 1. 2023 年 1 月以降分離された黄色ブドウ球菌 18 株の MLST 解析

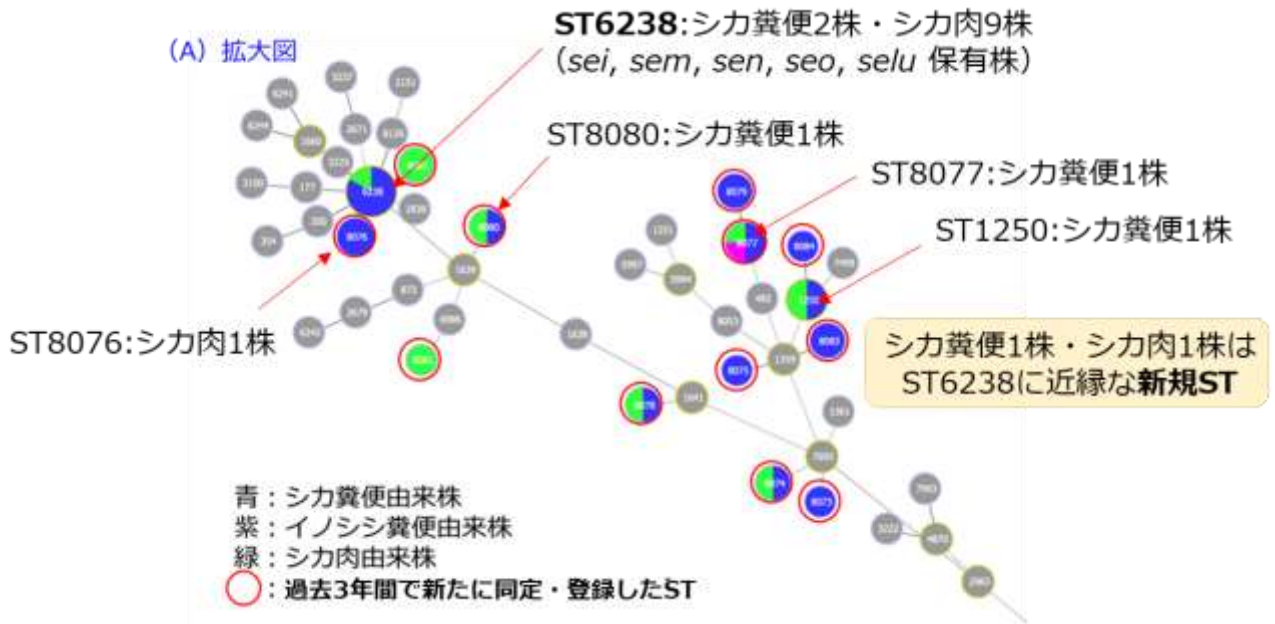


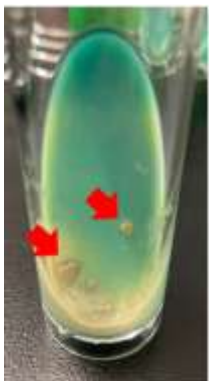
図 2. *Enterobacter hormaechei* が保有する AmpC 型  $\beta$  ラクタマーゼと *bla*<sub>ACT16</sub> のアミノ酸配列のアライメント比較

▼

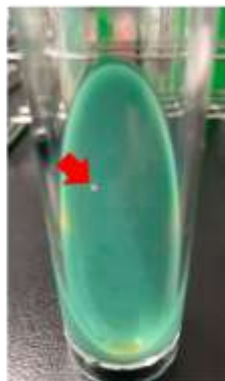
<i>bla</i> <sub>ACT16</sub>	MMKKSLLCCALLLGLSCSALAAPVSEKQLAEVVANTVTPLMKAQSVPGMAVAVIYQGKSHY	60
<i>bla</i> <sub>ACTNew</sub>	MMKKSLLCCALLLGLSCSALAAPVSEKQLAEVVANTVTPLMIAQSVPGMAVAVIYQGKSHY	60
*****		
<i>bla</i> <sub>ACT16</sub>	YTFGKADIAANKPVTPTLFLGSIKFTFTGVLGGDAIARGEISLDDPVTRYWPQLTGKQ	120
<i>bla</i> <sub>ACTNew</sub>	YTFGKADIAANKPVTPTLFLGSIKFTFTGVLGGDAIARGEISLDDPVTRYWPQLTGKQ	120
*****		
<i>bla</i> <sub>ACT16</sub>	WQIRMLDLATYTAGGLPLQVPDEVTDNASLLRFYQNWQPQWKPGTTRLYANASIGLFGA	180
<i>bla</i> <sub>ACTNew</sub>	WQIRMLDLATYTAGGLPLQVPDEVTDNASLLRFYQNWQPQWKPGTTRLYANASIGLFGA	180
*****		
<i>bla</i> <sub>ACT16</sub>	LAVKPSGMPYEQAMTTRVLKPLKLDHTWINVPKAEAAHYAWGYRDGKAVRVSPGMLDAQA	240
<i>bla</i> <sub>ACTNew</sub>	LAVKPSGMPYEQAMTTRVLKPLKLDHTWINVPKAEAAHYAWGYRDGKAVRVSPGMLDAQA	240
*****		
<i>bla</i> <sub>ACT16</sub>	YGVKTNVQDMANWYMANMAPEKYADASLKQGIALAQSRYWRIGSMYQGLGWEMLNWPVEA	300
<i>bla</i> <sub>ACTNew</sub>	YGVKTNVQDMANWYMANMAPEKYADASLKQGIALAQSRYWRIGSMYQGLGWEMLNWPVEA	300
*****		
<i>bla</i> <sub>ACT16</sub>	NTVVEGSDSKVALAPLPVAEVNPPAPPVKASWVHKTGSTGGFGSYVAFIPEKQIGIYMLA	360
<i>bla</i> <sub>ACTNew</sub>	NTVVEGSDSKVALAPLPVAEVNPPAPPVKASWVHKTGSTGGFGSYVAFIPEKQIGIYMLA	360
*****		
<i>bla</i> <sub>ACT16</sub>	NKSYNPARVEAAYHILEALQ*	381
<i>bla</i> <sub>ACTNew</sub>	NKSYNPARVEAAYHILEALQ*	381
*****		

図 3. 小川培地上に発育した非結核性抗酸菌様コロニーと酸素感受性蛍光センサー法 (MGIT) におけるセンサー部が蛍光反応の検出

小川培地 (培養1週間)

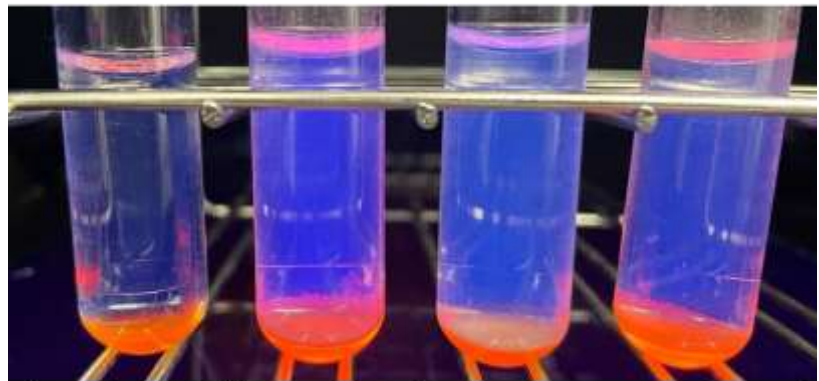


24B64



24D109

MGIT (培養1週間)



(-)

24B64

24D94

24D109